



University of Guilan
Faculty of Agricultural Sciences

Cereal Research

Vol. 14, No. 3, Autumn 2024 (251-266)

doi: 10.22124/CR.2024.28213.1832

pISSN: 2252-0163 eISSN: 2538-6115



RESEARCH PAPER

OPEN ACCESS

Investigation of genetic diversity of durum wheat genotypes based on grain yield and yield components

Soosan Salehi¹, Lia Shoostari^{2*}, Reza Mohammadi^{3*}, Alireza Pour-Aboughadareh⁴ and Alireza Etminan⁵

1. Ph.D. Student, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Kermanshah Branch, Islamic Azad University, Kermanshah, Iran
2. Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Kermanshah Branch, Islamic Azad University, Kermanshah, Iran (* Corresponding author: l.shoostary@yahoo.com)
3. Research Associate Professor, Dryland Agricultural Research Institute (DARI), Deputy of Sararood, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Kermanshah, Iran (* Corresponding author: rmohammadi95@yahoo.com)
4. Research Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
5. Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Kermanshah Branch, Islamic Azad University, Kermanshah, Iran

Comprehensive abstract

Introduction

Durum wheat (*Triticum turgidum* L. subsp. Durum) is the only tetraploid wheat species with high nutritional values. Regarding the high adaptability of this cereal crop to the Mediterranean conditions, achieving high-performance and stable varieties has a critical role in expanding the cultivation areas followed by increasing its production. Evaluation of genetic diversity is the main foundation of any breeding program, that can provide useful information about population structure as well as growth and agronomic characteristics of the studied genetic materials. The main objective of the present study was to investigate the genetic diversity in a set of durum wheat genotypes in terms of some agronomic and morphological traits.

Materials and methods

In this study, the diversity of morphological and agronomic traits of 172 durum wheat genotypes along with four check cultivars including Saji, Zahab, Sepand and Tabesh were investigated under rainfed conditions during two cropping seasons (2022-2023 and 2023-2024). The experiment was conducted in an augmented design with seven incomplete blocks. To investigate the genetic diversity, some genetic statistics including environmental, phenotypic and genotypic coefficient of variation, broad sense heritability, genetic gain and mean-based genetic gain were calculated. Furthermore, multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI) was used to identify the superior genotypes for all measured traits. A two-way genotype-trait dendrogram based on cluster analysis was also used to group the studied genotypes and traits.

Research findings

The results of this experiment showed that there were significant differences among the studied genotypes for number of days to heading, grain filling period, plant height, 1000-kernel weight and grain yield. Grain yield and yield components had the highest phenotypic and genotypic coefficient of variation (PCV and GCV, respectively). Broad-sense heritability was also estimated to be moderate to high for most of the measured traits in both years. The highest genetic gain was observed for grain yield and plant height in the first year and 1000-kernel weight, number of spikes, and spike density in



the second year. The results of MGIDI index identified 26 genotypes (No. 5, 8, 13, 14, 16, 20, 21, 26, 51, 81, 86, 87, 91, 92, 95, 96, 97, 99, 100, 102, 103, 155, 158, 163, 166, and 174) as superior genotypes. These genotypes had significant superiority over other genotypes in this experiment in terms of all measured traits. The results of cluster analysis also distinguished the superior genotypes identified by the MGIDI index from other genotypes and grouped them in a separate cluster.

Conclusion

According to the results of multi-trait genotype-ideotype distance index and grouping of cluster analysis, genotypes 102, 100, 92, 87, 21, 174, 86, 8, 14, and 5 can be recommended as the superior and ideal genotypes of this experiment for use in future breeding programs in durum wheat.

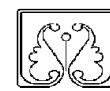
Keywords: Cluster analysis, Genetic gain, Germplasm, MGIDI index

Received: August 19, 2024

Accepted: December 13, 2024

Cite this article:

Salehi, S., Shoostari, L., Mohammadi, R., Pour-Aboughadareh, A. R., & Etminan, A. L. (2024). Investigation of genetic diversity of durum wheat genotypes based on grain yield and yield components. *Cereal Research*, 14(3), 251-266. doi: [10.22124/CR.2024.28213.1832](https://doi.org/10.22124/CR.2024.28213.1832).



ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم دوروم بر اساس عملکرد و اجزای عملکرد دانه

سوسن صالحی^۱، لیا شوشتری^۲، رضا محمدی^۳، علیرضا پورابوقداره^۴ و علیرضا اطمینان^۵

۱- دانشجوی دکتری، گروه بیوتکنولوژی و به‌نژادی گیاهی، واحد کرمانشاه، دانشگاه آزاد اسلامی، کرمانشاه، ایران

۲- استادیار، گروه بیوتکنولوژی و به‌نژادی گیاهی، واحد کرمانشاه، دانشگاه آزاد اسلامی، کرمانشاه، ایران (* نویسنده مسئول):

l_shoostary@yahoo.com

۳- دانشیار پژوهش، مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، معاونت سرارود، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران

(* نویسنده مسئول): rmohammadi95@yahoo.com

۴- استادیار پژوهش، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۵- دانشیار، گروه بیوتکنولوژی و به‌نژادی گیاهی، واحد کرمانشاه، دانشگاه آزاد اسلامی، کرمانشاه، ایران

چکیده جامع

مقدمه: گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. Subsp. Durum) تنها گونه تتراپلوئید گندم است که دارای ارزش غذایی بالایی می‌باشد. با توجه به سازگاری بالای این گیاه زراعی به شرایط آب و هوایی مدیترانه‌ای، دست‌یابی به ارقام با پتانسیل بالا و پایدار نقش مهمی در توسعه سطح زیر کشت و به‌دنبال آن افزایش میزان تولید آن دارد. ارزیابی تنوع ژنتیکی، پایه و اساس هر برنامه به‌نژادی است و اطلاعات مفیدی در رابطه با ساختار جمعیت و همچنین ویژگی‌های رشدی و زراعی در مواد ژنتیکی موجود فراهم می‌کند. هدف از اجرای این پژوهش، بررسی تنوع ژنتیکی موجود در مجموعه‌ای از ژنوتیپ‌های گندم دوروم بر اساس صفات زراعی و مورفولوژیک بود.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش، تنوع صفات مورفولوژیک و زراعی ۱۷۲ ژنوتیپ گندم دوروم به‌همراه چهار رقم زراعی ساجی، ذهاب، سپند و تابش (به‌عنوان شاهد) طی دو سال زراعی (۱۴۰۱-۱۴۰۲ و ۱۴۰۳-۱۴۰۲) تحت شرایط دیم در مزرعه مورد ارزیابی قرار گرفت. آزمایش در قالب یک طرح حجیم شده (آگمنت) با هفت بلوک ناقص انجام شد. به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی، از برخی از آماره‌های ژنتیکی شامل ضریب تغییرات محیطی، فنوتیپی و ژنوتیپی، وراثت‌پذیری عمومی، پیشرفت ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی بر مبنای میانگین جمعیت استفاده شد. علاوه بر این، از شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدیوتیپ چند صفتی (MGIDI) به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب و برتر از نظر تمامی صفات اندازه‌گیری شده استفاده شد. برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و صفات مورد مطالعه نیز دندروگرام دوطرفه ژنوتیپ-صفت با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای رسم شد.

یافته‌های تحقیق: نتایج به‌دست آمده از این آزمایش نشان داد که اختلاف معنی‌داری در بین ژنوتیپ‌های مطالعه شده از نظر تعداد روز تا ظهور سنبله، دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه وجود داشت. عملکرد و اجزای عملکرد دانه دارای بالاترین میزان ضرایب تغییرات فنوتیپی (PCV) و ژنوتیپی (GCV) بودند. مقدار وراثت‌پذیری عمومی نیز برای بیش‌تر صفات اندازه‌گیری شده در هر دو سال زراعی در حدود متوسط تا بالا برآورد شد. بالاترین میزان بازده ژنتیکی برای صفات عملکرد دانه و ارتفاع بوته در سال اول و وزن هزار دانه، تعداد سنبله و تراکم سنبله در سال مشاهده شد. نتایج به‌دست

آمده از شاخص MGIDI تعداد ۲۶ ژنوتیپ (ژنوتیپ‌های شماره ۵، ۸، ۱۳، ۱۴، ۱۶، ۲۰، ۲۱، ۲۶، ۵۱، ۸۱، ۸۶، ۸۷، ۹۱، ۹۲، ۹۵، ۹۶، ۹۷، ۹۹، ۱۰۰، ۱۰۲، ۱۰۳، ۱۵۵، ۱۵۸، ۱۶۳، ۱۶۶ و ۱۷۴) را به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی کرد. این ژنوتیپ‌ها از نظر تمامی صفات اندازه‌گیری شده برتری قابل توجهی نسبت به سایر ژنوتیپ‌های این آزمایش داشتند. نتایج تجزیه خوشه‌ای نیز ژنوتیپ‌های برتر شناسایی شده بر اساس شاخص MGIDI را از سایر ژنوتیپ‌ها تفکیک و در خوشه مجزایی گروه‌بندی کرد.

نتیجه‌گیری: با توجه به نتایج به‌دست آمده از شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدیوتیپ چند صفتی و همچنین نتایج حاصل از گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر مبنای تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های شماره ۱۰۲، ۱۰۰، ۹۲، ۸۷، ۲۱، ۱۷۴، ۸۶، ۸، ۱۴ و ۵ به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر و ایده‌آل این آزمایش برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی آینده در گندم دوروم پیشنهاد می‌شوند.

واژه‌های کلیدی: بازده ژنتیکی، تجزیه خوشه‌ای، ژرم‌پلاسم، شاخص MGIDI

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۵/۲۹

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۹/۲۳

نحوه استناد به این مقاله:

صالحی، سوسن، شوشتری، لیا، محمدی، رضا، پورابوقداره، علیرضا، و اطمینان، علیرضا. (۱۴۰۳). ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم دوروم بر اساس عملکرد و اجزای عملکرد دانه. *تحقیقات غلات*، ۱۴ (۳)، ۲۶۶-۲۵۱. doi: [10.22124/CR.2024.28213.1832](https://doi.org/10.22124/CR.2024.28213.1832)

مقدمه

غلات و فرآورده‌های وابسته به آن بخش مهمی از رژیم غذایی جمعیت جهان را در کشورهای توسعه‌یافته و در حال توسعه تشکیل می‌دهند (Laskowski *et al.*, 2019). در واقع یکی از دلایل اهمیت غلات ناشی از این واقعیت است که امنیت غذایی جهان به تولید این محصولات که سالانه حدود ۲۶۰۰ میلیون تن است، وابسته است (FAO, 2019). گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. Subsp. Durum) تنها گونه تتراپلوئید گندم است که دارای ارزش غذایی و اقتصادی بالایی است. این گونه عموماً در حوزه مدیترانه و برخی از مناطق آمریکای شمالی و استرالیا کشت می‌شود (De Santis *et al.*, 2021). از نظر ارزش غذایی و صنایع تبدیلی، گندم دوروم به دلیل وجود کربوهیدرات‌ها، فیبرهای غذایی، پروتئین و بسیاری از اجزای مواد معدنی در دانه خود به‌عنوان یکی از مهم‌ترین غلات دانه‌ریز محسوب می‌شود (De Santis *et al.*, 2021). با توجه به این‌که بیش‌ترین سطح زیر کشت و تولید این غله در مناطق مدیترانه‌ای است و این مناطق عمدتاً در دسته مناطق گرم‌سیر و نیمه‌گرم‌سیر قرار می‌گیرند، از این‌رو تولید رقم‌های متحمل به تنش خشکی آخر فصل یکی از مهم‌ترین اولویت برنامه‌های به‌نژادی گندم دوروم محسوب می‌شود. تغییرات گسترده اقلیمی، رشد جمعیت و به‌دنبال آن افزایش تقاضا برای تأمین نیاز غذایی موجب شده است که تلاش برای اصلاح ارقام گندم با عملکرد بالا و پایدار در برابر انواع تنش‌های محیطی بیش از پیش اهمیت یابد. دستیابی به این هدف مستلزم بررسی منابع ژرم‌پلاسما برای شناسایی ژن‌ها و حتی آلل‌های جدید است (Alamerew *et al.*, 2004). ارزیابی تنوع ژنتیکی مواد گیاهی یکی از مهم‌ترین اقدامات اولیه در تمامی برنامه‌های به‌نژادی است. با شناسایی والدین برخوردار از صفات کمی و کیفی مطلوب می‌توان فراوانی آلل‌ها یا ترکیبات آللی مطلوب را در جمعیت‌های هدف افزایش داد. بنابراین می‌توان اظهار داشت که تولید رقم‌های پر محصول و با کیفیت نیازمند شناسایی ذخایر ژنتیکی متنوع و همچنین شناسایی مواد ژنتیکی دارای صفات مطلوب است (Jokarfard *et al.*, 2023). ارزیابی تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی موجود است و در بین آن‌ها نشانگرهای فنوتیپی (صفات مورفولوژیک، فیزیولوژیک و زراعی) به‌عنوان ساده‌ترین و در عین حال

مفیدترین ابزارها شناخته شده‌اند. دلیل اهمیت این نشانگرها، قابلیت آن‌ها در نشان دادن پاسخ مواد گیاهی مورد ارزیابی به شرایط محیطی است، به‌طوری که از این طریق به‌نژادگر قادر است تصویر شفافی از نحوه شرایط رشدی و پاسخ گیاه به متغیرهای محیطی به‌دست آورد. از دیگر مزایای استفاده از نشانگرهای فنوتیپی می‌توان به امکان تخمین و بررسی نحوه توارث صفات و اطلاع از میزان تنوع ژنتیکی آن‌ها در جمعیت‌های هدف اشاره داشت، به‌طوری که از این طریق می‌توان راه‌کارهای مؤثری به‌منظور بهبود ارقام تعیین کرد (Kamalizadeh *et al.*, 2019; Pour-Aboughadareh *et al.*, 2013). این امر سبب خواهد شد تا به‌نژادگر درک صحیحی از عمل ژن‌های کنترل‌کننده صفات مختلف به‌دست آورد (Roff & Emerson, 2006).

روش‌ها و مدل‌های آماری متعددی جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی پیشنهاد و ارائه شده است. در این بین، روش‌های آماری چندمتغیره مانند تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای، نقش مهمی در گروه‌بندی مواد ژنتیکی و همچنین صفات ارزیابی شده و شناسایی عوامل تأثیرگذار بر صفات هدف جهت شناسایی برترین مواد ژنتیکی دارند (Khadem Hosseini & Rabiei, 2021). از این‌رو، به‌کارگیری توأم انواع روش‌ها و مدل‌های آماری می‌تواند اطلاعات مفیدی در رابطه با غربال‌گری منابع ژنتیکی فراهم آورد (Taheri *et al.*, 2024). در یک بررسی صورت گرفته توسط جوکارفرد و همکاران (Jojarfard *et al.*, 2023) تنوع ژنتیکی موجود در ۱۴۱ لاین نوترکیب برنج با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره مورد بررسی قرار گرفت. نتایج این پژوهش نشان داد که تمامی لاین‌های ارزیابی شده در سه گروه کلی دسته‌بندی شدند و با توجه به تعیین ارزش گروه‌های به‌دست آمده از نظر صفات مورد بررسی، لاین‌های موجود در گروه اول و سوم به‌ترتیب از نظر عملکرد دانه و کیفیت ظاهری دانه نسبت به سایر لاین‌ها برتر بودند و از این‌رو می‌توانند برای بهبود ارقام موجود از نظر این صفات در برنامه‌های به‌نژادی مورد استفاده قرار گیرند. طاهری و همکاران (Taheri *et al.*, 2024) با ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در مجموعه‌ای از لاین‌های نوترکیب گندم دوروم از نظر برخی صفات زراعی و مورفولوژیک در شرایط تنش خشکی آخر فصل گزارش دادند که تجزیه به عامل‌ها به‌عنوان یکی از مهم‌ترین تجزیه‌های آماری چندمتغیره

تهیه بستر بذر به صورت یکسان و بر اساس دستورالعمل زراعی انجام شد. هنگام آماده سازی زمین و قبل از کاشت، از کودهای اوره، فسفات تریپل و سولفات پتاسیم به ترتیب به میزان ۷۵، ۷۵ و ۲۵ کیلوگرم در هکتار استفاده شد. کرت های آزمایشی در هر دو آزمایش، شامل شش خط کاشت سه متری با فاصله بین خطوط ۲۰ سانتی متر بود. کاشت بذر با استفاده از دستگاه بذرکار (Wintersteiger, Ried, Austria) با تراکم ۴۰۰ بذر در متر مربع صورت گرفت. در طول دوره رشد و نمو، به منظور جلوگیری از رشد علف های هرز از سموم شیمیایی توفوردی و تاپیک به ترتیب به میزان دو و یک لیتر در هکتار استفاده شد. تمامی مراقبت های زراعی در طول دوره رشد گیاه مطابق با دستورالعمل انجام شد.

صفات اندازه گیری شده در این پژوهش شامل تعداد روز تا مرحله بوتینگ (آبستنی)، تعداد روز تا گل دهی، دوره پر شدن دانه، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول برگ پرچم، تراکم سنبله، طول سنبله اصلی، تعداد سنبله در متر مربع، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، عملکرد دانه، بیوماس و شاخص برداشت بودند. اندازه گیری تمامی صفات بر اساس ۱۰ بوته تصادفی از هر کرت آزمایشی صورت گرفت. برای اندازه گیری عملکرد دانه، گیاهان هر کرت آزمایشی در مرحله رسیدگی فیزیولوژیک پس از حذف اثر حاشیه با استفاده از کمباین آزمایشی (Wintersteiger, Ried, Austria) برداشت و عملکرد دانه بر اساس کیلوگرم در متر مربع محاسبه شد. شاخص برداشت نیز از طریق نسبت عملکرد دانه به عملکرد زیست توده به دست آمد.

پس از جمع آوری داده های آزمایشی، تجزیه های آماری با هدف برآورد میانگین صفات و پارامترهای ژنتیکی انجام شد. ضرایب تغییرات محیطی، فنوتیپی و ژنوتیپی برای هر صفت در کلیه ژنوتیپ های ارزیابی شده بر اساس مدل های ارائه شده توسط فدرر و سیرل (Federer & Searle, 1976) و بارتون (Burton, 1952) برآورد شدند. همچنین میزان وراثت پذیری عمومی و بازده ژنتیکی هر یک از صفات بر اساس مدل های پیشنهادی توسط لاش (Lush, 1940)، رابینسون (Robinson, 1966) و جانسون (Johnson et al., 1955) برآورد شدند. به منظور شناسایی ژنوتیپ های برتر از نظر تمامی صفات اندازه گیری شده از شاخص فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفتی MGIDI; Multi-trait Genotype-Ideotype)

به خوبی قادر به گروه بندی صفات بود و توانست ۸۰ درصد از تنوع موجود در بین لاین های نوترکیب را توجیه کند. همچنین این محققان با استفاده از تجزیه خوشه ای نیز گروه مربوط به برترین لاین های متحمل به تنش خشکی را از سایر لاین ها شناسایی کردند. فرشادفر و همکاران (Farshadfar et al., 2020) نیز با بررسی تنوع ژنتیکی موجود در مجموعه ای از ارقام گندم دوروم با استفاده از صفات فیزیولوژیک گزارش کردند که مدل GGE ابزار مناسبی جهت شناسایی ژنوتیپ های پایدار و برخوردار از صفات مطلوب فیزیولوژیک است. پورابوقداره و همکاران (Pour-Aboughadareh et al., 2020b) نیز در مطالعه مجموعه ای از ژنوتیپ های گندم دوروم نشان دادند که در شرایط دیم صفات فنولوژیک نقش مهمی در تثبیت عملکرد دانه دارند و این صفات به همراه عملکرد دانه و اجزای آن می توانند به عنوان معیارهای اصلی برای گزینش ژنوتیپ های پایدار و زودرس مورد استفاده قرار گیرند.

موقعیت جغرافیایی ایران در حوزه مدیترانه و شرایط اقلیمی آن از یک سو و اهمیت و ارزش غذایی و اقتصادی گندم دوروم از سوی دیگر سبب شده است تا در سال های اخیر توجه ویژه ای به اصلاح ارقام گندم دوروم و افزایش سطح زیر کشت آن شود. از این رو، شناسایی منابع ژنتیکی و ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در آن ها می تواند نقش مهمی در گزینش ژنوتیپ های مطلوب از نظر عملکرد و سایر صفات زراعی داشته باشد. این مطالعه با هدف بررسی تنوع ژنتیکی موجود در مجموعه ای از ژنوتیپ های گندم دوروم و تخمین پارامترهای ژنتیکی برای برخی از صفات فنولوژیک، مورفولوژیک و زراعی در شرایط دیم انجام شد.

مواد و روش ها

مواد گیاهی مورد ارزیابی در این مطالعه شامل ۱۷۲ ژنوتیپ اصلاحی گندم دوروم به همراه چهار رقم زراعی دیم شامل ساجی، ذهاب، سپند و تابش به عنوان شاهد بودند. فهرست ژنوتیپ های ارزیابی شده به همراه شجره آن ها در فایل تکمیلی (جدول تکمیلی ۱) ارائه شده است. آزمایش در قالب طرح حجیم شده با هفت بلوک ناقص در مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور واقع در سرارود کرمانشاه طی دو سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲ و ۱۴۰۲-۱۴۰۳ اجرا شد. تمامی ژنوتیپ های مورد ارزیابی به صورت تصادفی در بین بلوک ها کشت و چهار رقم شاهد در هر بلوک تکرار شدند. در هر دو سال زراعی عملیات خاک ورزی و شرایط

(Distance Index) استفاده شد. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و صفات مورد بررسی نیز با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش نزدیک‌ترین همسایه‌ها (Neighbor-Joining) انجام شد. تمامی تجزیه‌های آماری با استفاده از بسته‌های تحلیلی *metan*, *pheatmap*, *augmented RCB* و با استفاده از نرم‌افزار R انجام شدند (Kolde, 2018; Aravind *et al.*, 2019; Olivoto & Lucio, 2020; Kuhn *et al.*, 2022).

نتایج و بحث

در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲ میزان بارش در ایستگاه سرارود ۳۷۳ میلی‌متر بود که در مقایسه با میانگین بلند مدت ۱۴/۸ درصد کاهش و نسبت به سال زراعی قبل ۶۴ درصد افزایش داشت. میانگین درجه حرارت ۱۱/۸ درجه سلسیوس بود که در مقایسه با میانگین بلند مدت ۰/۳ درجه افزایش و نسبت به سال زراعی قبل ۰/۴ درجه سلسیوس کاهش داشت. در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۳ نیز میزان بارش در ایستگاه سرارود ۴۴۸ میلی‌متر بود که در مقایسه با میانگین بلند مدت یک درصد و نسبت به سال زراعی گذشته ۲۰ درصد افزایش را نشان می‌دهد. متوسط درجه حرارت سال زراعی نیز ۱۳/۶ درجه سلسیوس بود که در مقایسه با میانگین بلند مدت ۲/۱ درجه سلسیوس و نسبت به سال زراعی گذشته ۱/۸ درجه سلسیوس افزایش یافته است.

خلاصه‌ای از آماره‌های توصیفی و پارامترهای ژنتیکی محاسبه شده برای هر یک از صفات اندازه‌گیری شده به تفکیک دو سال اجرای آزمایش در جدول ۱ ارائه شده است. با توجه به نتایج به‌دست آمده از داده‌های سال اول مشخص شد که بین ژنوتیپ‌های ارزیابی شده از نظر تعداد روز تا ظهور سنبله، دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه اختلاف معنی‌داری وجود داشت. مقدار از نظر ضریب تغییرات محیطی (ECV)، کم‌ترین و بیش‌ترین مقدار به‌ترتیب مربوط به صفات تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و تعداد سنبله در متر مربع بود. همچنین صفت تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک دارای کم‌ترین مقدار ضرایب تغییرات فنوتیپی (PCV) و ژنوتیپی (GCV) بود. با این‌حال، صفات عملکرد دانه، تعداد سنبله در متر مربع، تعداد دانه در سنبله و عملکرد زیستی دارای بیش‌ترین مقدار PCV بودند. همچنین صفات عملکرد دانه، تعداد سنبله در متر مربع، تعداد دانه در سنبله و

عملکرد زیستی به‌همراه وزن هزار دانه بیش‌ترین میزان GCV را نسبت به سایر صفات به‌خود اختصاص دادند. از نظر میزان وراثت‌پذیری عمومی نیز تمامی صفات به‌جز طول برگ پرچم، تعداد سنبله در متر مربع و تراکم سنبله، در گروه صفات دارای وراثت‌پذیری متوسط تا بالا قرار گرفتند. مقادیر بازده ژنتیکی برآورده شده بر اساس میانگین (Gam) نیز از حداقل ۰/۳۹ تا حداکثر ۲۶/۴۵ متغیر بود و صفات ارتفاع بوته و عملکرد دانه در گروه صفات دارای بیش‌ترین مقدار Gam قرار گرفتند.

نتایج به‌دست آمده از داده‌های سال دوم آزمایش نیز نشان داد که ۱۷۲ ژنوتیپ گندم دوروم ارزیابی شده دارای اختلاف معنی‌داری از نظر صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا گل‌دهی، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه، تراکم سنبله و عملکرد دانه بودند. مجموعه صفات فنولوژیک نسبت به سایر صفات مورفولوژیک و زراعی دارای کم‌ترین مقادیر ضریب تغییرات محیطی (ECV) بودند. همچنین، بیش‌ترین مقادیر ضرایب فنوتیپی (PCV) و ژنوتیپی (GCV) مربوط به صفات تراکم سنبله، تعداد سنبله در متر مربع، وزن هزار دانه و عملکرد دانه بود. میزان وراثت‌پذیری برای صفات فنولوژیک بالا و برای صفات مربوط به اجزای عملکرد متوسط بود. کم‌ترین میزان وراثت‌پذیری نیز برای صفات طول سنبله، طول برگ پرچم و عملکرد دانه محاسبه شد. از نظر آماره Gam نیز صفات وزن هزار دانه، تعداد سنبله در متر مربع و تراکم سنبله نسبت به سایر صفات دارای بیش‌ترین میزان بازده ژنتیکی بر اساس میانگین بودند و به‌جز صفات عملکرد دانه و تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک که از نظر گروه‌بندی جانسون (Johnson *et al.*, 1955) در گروه متوسط قرار داشتند، سایر صفات دارای کم‌ترین مقدار بودند. به‌طور کلی با توجه به نتایج به‌دست آمده می‌توان اظهار داشت که ژرم‌پلاسم مورد ارزیابی از نظر صفات فنولوژیک و عملکرد دانه و برخی از اجزای آن دارای تنوع ژنتیکی قابل قبولی بود و این تنوع می‌تواند در یافتن مواد ژنتیکی مطلوب برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی مؤثر باشد. به‌عنوان مثال، در شرایط دیم دست‌یابی به مواد ژنتیکی زودرس و در عین حال دارای دوره پر شدن دانه مطلوب به‌عنوان یکی از استراتژی‌های تحمل به تنش خشکی در نظر گرفته می‌شود، زیرا دوره پر شدن دانه نقش مهمی در حفظ وزن دانه و به‌موازات آن در حفظ شاخص وزن هزار

دانه و عملکرد دانه دارد. بنابراین ژنوتیپ‌هایی که دارای دوره پر شدن دانه بالا و تاریخ گل‌دهی و رسیدگی فیزیولوژیک کم‌تری باشند، می‌توانند سیکل رشدی خود را زودتر کامل کنند و از رویارویی با شرایط تنش آخر فصل مصون بمانند (Tabatabaei *et al.*, 2013). پیش از این سطح بالایی از تنوع ژنتیکی از نظر صفات مورفولوژیک و

زراعی در مجموعه‌های مختلفی از ژرم پلاسما گندم دوروم توسط سایر محققان گزارش شده است که در این زمینه، نتایج حاصل از این پژوهش با یافته‌های گزارش شده توسط پژوهش‌گران قبلی مطابقت دارد (Poursiahbidi *et al.*, 2013; Pour-Aboughadareh *et al.*, 2020a, b; Mehrahi *et al.*, 2020; Dagnaw *et al.*, 2023).

جدول ۱- شاخص‌های آماری و ژنتیکی برآورد شده در ژنوتیپ‌های گندم دوروم در دو سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۳ و ۱۴۰۱-۱۴۰۲
Table 1. Statistical and genetic parameters estimated in durum wheat genotypes in two cropping years, 2022-2023 and 2023-2024

Year	Trait [†]	Genotype (df = 171)	Min	Max	Mean	Std	ECV	PCV	GCV	H _b	GA	GAm	Cat
2022-2023	DH	5.17**	126.64	137.64	132.34	2.39	0.95	1.72	1.43	69.28	H	2.45	L
	DA	4.65 ^{ns}	138.71	142.57	140.37	1.05	0.57	0.62	Null	Null	Null	Null	Null
	GFP	4.52**	32.5	42.5	36.88	2.22	3.5	5.77	4.58	63.08	H	7.5	L
	DM	0.43 ^{ns}	168.64	173.14	169.23	0.67	0.28	0.39	0.27	48.66	M	0.39	L
	PH	73.41**	53.43	104.73	69.59	8.28	5.03	12.31	11.24	83.33	H	21.17	H
	PL	14.90 ^{ns}	19.93	46.53	30.05	4.86	9.26	12.84	8.9	48.04	M	12.73	M
	FL	5.97 ^{ns}	16.12	34.57	23.91	2.72	9.95	10.22	2.36	5.34	L	1.13	L
	NS	9290.36 ^{ns}	180	755	429.66	95.15	20.25	22.43	9.66	18.54	L	8.58	L
	SL	0.53 ^{ns}	5.94	9.59	7.77	0.75	7.09	9.35	6.09	42.46	M	8.19	L
	NGS	33.03 ^{ns}	18.12	53.37	34.45	6.33	16.7	16.68	Null	Null	Null	Null	Null
	TKW	11.40*	21.47	43.3	33.29	3.55	6.62	10.14	10.14	57.35	M	12	M
	SD	55.42 ^{ns}	22.1	65.83	44.55	7.87	15.38	16.71	6.54	15.32	L	5.28	L
	GY	9030.40*	208.93	825.52	426.04	99.9	14.54	22.31	16.91	57.49	M	26.45	H
BY	51352.71 ^{ns}	666.43	1979.8	1181.64	236.67	15.91	19.18	10.71	31.2	M	12.34	M	
HI	11.09 ^{ns}	22.35	47.8	36.01	3.38	Null	9.25	Null	Null	Null	Null	Null	
2023-2024	DH	2.30*	105.71	115.71	110.65	1.91	0.85	1.37	1.08	61.9	H	1.75	L
	DA	2.29*	112.71	122.71	117.64	1.92	0.8	1.29	1.01	61.76	H	1.64	L
	GFP	0.07**	131	133	131.04	0.27	0.4	0.21	0.21	100	H	0.43	L
	DM	10.79**	33.79	52.04	40.9	3.76	3.36	8.032	7.3	82.5	H	13.67	M
	PH	10.01**	151	167.75	158.54	3.23	0.86	2	1.8	81.49	H	3.36	L
	PL	5.19 ^{ns}	14.01	27.05	20.68	2.6	Null	11.02	Null	Null	Null	Null	Null
	FL	0.73 ^{ns}	5.44	10.19	7.66	0.87	9.56	11.18	5.79	26.84	L	6.19	L
	NS	176390 ^{ns}	355.69	3838.06	1687.71	566.51	24.29	31.15	19.5	39.18	M	25.18	H
	SL	62.16 ^{ns}	5.44	10.19	7.66	0.86	8.59	9.11	3.04	11.15	L	2.1	L
	NGS	14.54 ^{ns}	30.76	57.93	41.01	4.42	Null	9.3	Null	Null	Null	Null	Null
	TKW	92.29*	19.94	74.49	45.18	10	14.74	21.26	15.32	51.93	M	22.78	H
	SD	211.42*	23.63	115.1	59.7	14.44	16.38	24.35	18.02	54.77	M	27.52	H
	GY	13835*	177.5	847.5	458.05	129.27	22.33	25.68	12.69	24.42	L	12.93	M
BY	29.83 ^{ns}	28.65	60.44	45.14	6.25	9.76	12.1	7.15	34.93	M	8.72	L	
HI	22.26 ^{ns}	22.81	70.24	44.39	6.08	Null	10.63	Null	Null	Null	Null	Null	

^{ns}, *, and ** Not-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

[†] DH, days to heading; DA, days to anthesis; GFP, grain filling period; DM, days to maturity; PH, plant height; PL, Peduncle length; FL, flag-leaf length; NS, number of spikes; SL, spike length; NGS, number of grains per spike; TKW, 1000-kernel weight; SD, spike density; GY, grain yield; BY, biological yield; HI, harvest index; ECV, PCV, GCV, environmental, phenotypic and genotypic coefficient of variance, respectively; H_b, broad-sense heritability; GA, genetic gain; GAm, mean-based genetic gain; Cat, proposed category for board sense heritability and genetic gain. The null term indicates a negative estimate for variance; H, M, and L symbols represent high, moderate, and low grouping category for heritability and genetic gain, respectively.

(ضرایب عاملی و مقادیر ویژه نشان داده نشده‌اند). بررسی ضرایب استخراج شده از تجزیه به عامل‌ها نیز نشان داد که هر یک از صفات اندازه‌گیری شده با عامل‌های استخراجی دارای ارتباط مثبت و معنی‌داری هستند. بررسی ضرایب عاملی نشان داد که صفات تعداد سنبله در متر مربع، عملکرد دانه و عملکرد زیستی با عامل اول، طول برگ پرچم، ارتفاع بوته، طول پدانکل و طول سنبله اصلی با عامل دوم، تعداد روز تا ظهور سنبله و تعداد روز تا گل‌دهی با عامل سوم، تراکم سنبله، تعداد دانه در سنبله و شاخص برداشت با عامل چهارم، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و دوره پر شده دانه با عامل پنجم و وزن هزار دانه با عامل ششم دارای بیش‌ترین ارتباط معنی‌دار بودند (جدول ۲، شکل A-۱). میزان مشارکت هر یک از عامل‌های استخراج شده در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در مدل MGIDI در شکل A-۱ ارائه شده است. به عبارت دیگر با استفاده از این شکل می‌توان اظهار داشت که ژنوتیپ‌های منتخب از نظر کدام یک از صفات نیاز به اصلاح دارند. به عنوان مثال، عامل ششم (FA6) سهم کمی در انتخاب ژنوتیپ‌های شماره ۱۵۵، ۱۶۳ و ۲۶ دارد. به‌طور کلی خطوط بریده دایره‌ای شکل در مرکز شکل بیانگر حد آستانه مشارکت عامل‌های استخراجی در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در این مدل می‌باشد.

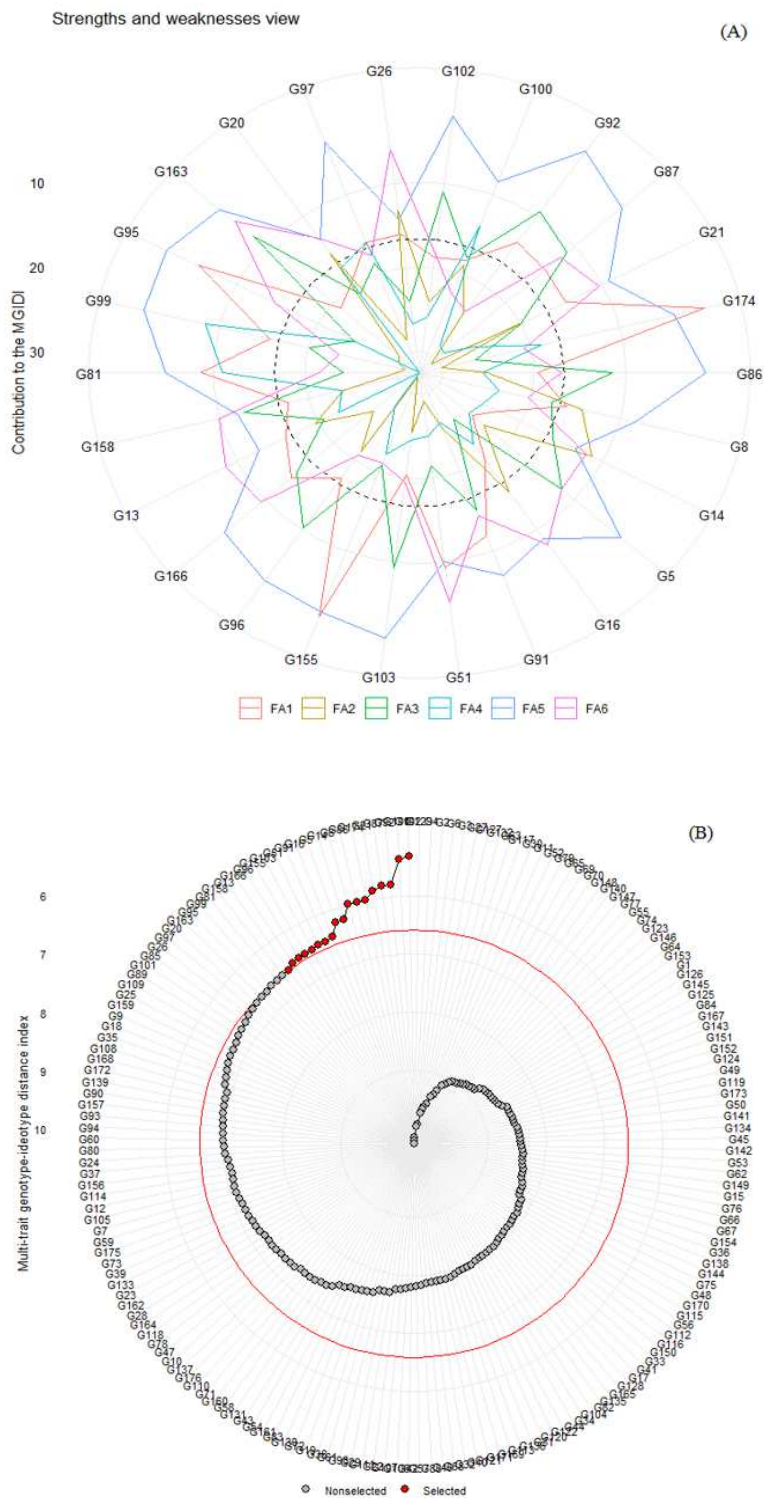
در برنامه‌های به‌نژادی، انتخاب مواد ژنتیکی بر اساس هر یک از صفات اندازه‌گیری شده غالباً نتایج متفاوتی ارائه خواهد کرد. از این‌رو به‌نژادگران نیازمند استفاده از انواع مدل‌های آماری برای دستیابی به ژنوتیپ‌های برتر می‌باشند. در این راستا استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره مانند تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه به عامل‌ها و یا مدل‌های مبتنی بر آن‌ها به‌عنوان یکی از استراتژی‌های مرسوم در گروه‌بندی و شناسایی ژنوتیپ‌های ایده‌آل از نظر مجموعه‌ای از صفات اندازه‌گیری شده در آزمایش‌های گوناگون به‌کار گرفته می‌شوند (Ghavidel *et al.*, 2023). یکی از مرسوم‌ترین و جدیدترین مدل‌های آماری طراحی شده جهت گزینش هم‌زمان ژنوتیپ‌های مطلوب از نظر مجموعه‌ای از صفات مختلف، مدل فاصله ژنوتیپ-ایدئوتیپ چند صفتی (MGIDI) است (Olivoto *et al.*, 2022) که بر پایه تجزیه به عامل‌ها و مؤلفه‌های اصلی انجام می‌شود و قادر به تفکیک ژنوتیپ‌های برتر بر اساس صفات مختلف است. نتایج به‌دست آمده از تجزیه به عامل‌ها نشان داد که شش مؤلفه نخست در مجموع ۸۰ درصد از تغییرات صفات مورفولوژیک و زراعی موجود در ژرم‌پلاسم ارزیابی شده را توجیه کردند (جدول ۲). مقدار ضریب KMO نیز ۰/۸۰۱ برآورد شد که بیانگر مناسب بودن این تجزیه است

جدول ۲- بازده انتخاب مدل MGIDI بر اساس میانگین داده‌های دو ساله صفات ارزیابی شده در ژنوتیپ‌های گندم دوروم

Table 2. Selection grain (SG) of MGIDI model based on averaged two-years data of measured traits in durum wheat genotypes

Trait [†]	Factor	X _O	X _S	SG	SG (%)	Pattern
NS	FA1	444	499	55.5	12.5	Increase
GY	FA1	586	707	121	20.7	Increase
BY	FA1	1435	1634	200	13.9	Increase
FL	FA2	22.3	22.6	0.26	1.2	Increase
PH	FA2	78.1	83	4.97	6.37	Increase
PL	FA2	35.5	39.4	3.88	10.9	Increase
SL	FA2	5.54	7.25	2.46	8.97	Increase
DA	FA3	136	136	-0.21	-0.16	Decrease
DH	FA3	125	124	-0.82	0.66	Decrease
SD	FA4	52.1	58.1	5.98	11.5	Increase
NGS	FA4	39.8	43	3.13	7.87	Increase
HI	FA4	40.2	43	2.82	7.02	Increase
DM	FA5	164	163	0.41	-0.25	Decrease
GFP	FA5	38.9	39.2	0.26	0.68	Increase
TKW	FA6	39.2	39.3	0.03	0.09	Increase

[†] NS, number of spikes; GY, grain yield; BY, biological yield; FL, flag-leaf length; PH, plant height; PL, Peduncle length; SL, spike length; DA, days to anthesis; DH, days to heading; SD, spike density; NGS, number of grains per spike; HI, harvest index; DM, days to maturity; GFP, grain filling period; TKW, 1000-kernel weight. X_O and X_S, average of the original and selected population, respectively.



شکل ۱- شاخص فاصله ژنوتیپ- ایدیوتیپ چند صفتی (MGIDI). (A) میزان مشارکت عوامل استخراج شده برای انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل، (B) ژنوتیپ‌های انتخاب شده در این مدل. دایره قرمز مرکزی خط برش مدل برای گزینش ژنوتیپ‌های ایده‌آل را نشان می‌دهد. Figure 1. Multi-trait genotype-ideotype distance index. A) Contribution of the extracted factors for selecting ideal genotypes, B) Selected genotypes in this model. The central red circle shows the cut-off threshold for selecting of ideal genotype.

به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌های ارزیابی شده، تجزیه خوشه‌ای بر اساس فاصله اقلیدسی با استفاده از میانگین داده‌های اصلاح شده انجام شد (شکل ۲). بررسی الگوی گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مطالعه شده بر اساس صفات مختلف نشان داد که تمامی ژنوتیپ‌ها و رقم‌های شاهد را می‌توان در دو گروه اصلی تفکیک کرد. گروه اول (I) ۱۱ درصد از ژنوتیپ‌های ارزیابی شده (۱۹ ژنوتیپ) را در بر گرفت. گروه دوم (II) خود به دو زیر گروه و هر کدام از آن‌ها نیز به دو زیر گروه دیگر تفکیک شدند (II-I و II-II). در زیر گروه‌های اول و دوم از زیر گروه‌های اصلی به ترتیب ۱۶ درصد (۲۸ ژنوتیپ)، ۱۷ درصد (۳۰ ژنوتیپ)، ۲۴ درصد (۴۳ ژنوتیپ) و ۳۲ درصد (۵۶ ژنوتیپ) درصد از ژنوتیپ‌ها قرار گرفتند. نتایج به‌دست آمده از مقایسه گروه‌های مختلف (جدول ۳) نشان داد که ژنوتیپ‌های گروه اول دارای انحراف مثبت از میانگین کل برای صفات تعداد سنبله، تراکم سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، عملکرد دانه و عملکرد زیستی بودند. میانگین زیر گروه اول از زیر گروه اصلی در خوشه دوم، تنها از نظر صفات طول برگ پرچم و شاخص برداشت و به‌صورت جزئی دارای انحراف مثبت از میانگین کل بود. زیر گروه دوم این زیر گروه اصلی نیز تنها از نظر صفات دوره پر شدن دانه، تعداد روز تا رسیدگی فیزیولوژیک و طول برگ پرچم دارای انحراف مثبت جزئی از میانگین کل بود. بررسی میانگین صفات در دو زیر گروه تفکیک شده از زیرگروه اصلی دوم نشان داد که این دو زیرگروه از نظر اکثر صفات دارای میانگین بالاتری از میانگین کل بودند و علاوه بر این، بیش‌تر ژنوتیپ‌های گزینش شده با استفاده از مدل MGIDI متعلق به این دو زیرگروه بودند.

استفاده از تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی و شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب در بسیاری از مطالعات تنوع ژنتیکی به‌عنوان یک ابزار آماری مفید گزارش شده است. احمدی و همکاران (Ahmadi et al., 2020) برای گروه‌بندی ۱۵۴ ژنوتیپ گندم دوروم در دو شرایط بدون تنش و تنش خشکی از تجزیه خوشه‌ای استفاده و ژنوتیپ‌های گروه اول با بیش‌ترین مقدار عملکرد دانه را به‌عنوان ژنوتیپ‌های مناسب برای بررسی‌های بیش‌تر و یا حتی شرکت در برنامه‌های دورگ‌گیری به‌عنوان ژنوتیپ‌های والدینی پیشنهاد کردند. ال‌لاواتی و همکاران (Al Lawati et al., 2021) نیز با استفاده از تجزیه خوشه‌ای توده‌های بومی گندم دوروم را بر اساس صفات مورفولوژیک و رنگ دانه

با در نظر گرفتن مقادیر کم‌تر برای صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، گل‌دهی و رسیدگی فیزیولوژیک و همچنین مقادیر بیش‌تر برای سایر صفات اندازه‌گیری شده، مدل MGIDI اجرا شد. نتایج به‌دست آمده نشان داد که بازده انتخاب (Selection gain) دارای دامنه نوسانی بین ۰/۴۰۹- تا ۲۰۰ بود و تمامی صفات به‌جز صفات فنولوژیک (تعداد روز تا ظهور سنبله، گل‌دهی و رسیدگی فیزیولوژیک) بازده انتخاب مثبت داشتند. عملکرد زیستی، عملکرد دانه، تعداد سنبله در متر مربع، تراکم سنبله، تعداد دانه در سنبله و ارتفاع بوته دارای بیش‌ترین بازده انتخاب بودند. با در نظر گرفتن شدت انتخاب (Selection intensity) ۱۰ درصد، تعداد ۲۶ ژنوتیپ (شماره‌های ۵، ۸، ۱۳، ۱۴، ۱۶، ۲۰، ۲۱، ۲۶، ۵۱، ۸۱، ۸۶، ۸۷، ۹۱، ۹۲، ۹۵، ۹۶، ۹۷، ۹۹، ۱۰۰، ۱۰۲، ۱۰۳، ۱۵۵، ۱۵۸، ۱۶۳، ۱۶۶ و ۱۷۴) به‌عنوان برترین ژنوتیپ‌ها از نظر تمامی صفات اندازه‌گیری شده انتخاب شدند (شکل B-۱).

پیش از این میسر و همکاران (Meier et al., 2019) نیز مقادیر بالایی از SG را برای صفات تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله و عملکرد دانه در مجموعه‌ای از لاین‌های گندم گزارش کردند. استفاده از شاخص‌ها و مدل‌های آماری مبتنی بر صفات مختلف به‌عنوان یکی از مهم‌ترین راه‌کارهای اصلاحی جهت گزینش ژنوتیپ‌ها و رقم‌های مناسب با عملکرد بالا و سایر صفات زراعی مطلوب می‌باشد و در مطالعات مختلف، کارایی بالای انواع مدل‌ها گزارش شده است. به‌عنوان مثال، پورابوقداره و پکزای (Pour-Aboughadareh & Poczaï 2021a, b)، در بررسی‌هایی که در خویش‌آوندان وحشی گندم انجام دادند، برترین توده‌های وحشی گندم را از نظر مجموعه‌ای از صفات فیزیولوژیک و شاخص‌های تحمل به تنش خشکی با استفاده از مدل MGIDI شناسایی کردند. علاوه بر این، قویدل و همکاران (Ghavidel et al., 2023) و زالی و همکاران (Zali et al., 2023) نیز استفاده از مدل MGIDI را به‌عنوان یکی از کارآمدترین مدل‌های آماری مبتنی بر مجموعه‌ای از صفات و پارامترهای در نظر گرفته شده برای گزینش ژنوتیپ‌های ایده‌آل در برنامه‌های به‌نژادی توصیه کردند. همچنین قزوینی و همکاران (Ghazvini et al., 2024) نیز با در نظر گرفتن انواع شاخص‌های تحمل به خشکی توانستند ژنوتیپ‌های پایدار و متحمل به خشکی جو را با استفاده از مدل MGIDI شناسایی کنند.

وزن هزار دانه، طول و تراکم سنبله) در بین ۱۷۲ ژنوتیپ ارزیابی شده گندم دوروم در شرایط دیم مشاهده شد. استفاده از مدل فاصله ژنوتیپ- ادیوتیپ چند صفتی (MGIDI) در این بررسی نشان داد که گزینش بر اساس مجموعه صفات اندازه‌گیری شده به‌خوبی قادر به تفکیک ژنوتیپ‌های برتر بود. با توجه به نتایج به‌دست آمده از تجزیه خوشه‌ای مشخص شد که بیش‌تر ژنوتیپ‌های انتخاب شده در مدل MGIDI در دو زیر گروه موجود در زیر گروه دوم قرار داشتند و از نظر صفات اندازه‌گیری شده دارای انحراف مثبتی از میانگین کل بودند. در مجموع ژنوتیپ‌های شماره ۱۰۲، ۱۰۰، ۹۲، ۸۷، ۲۱، ۱۷۴، ۸۶، ۸، ۱۴ و ۵ به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر و ایده‌آل این آزمایش انتخاب شدند و می‌توانند برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی مورد توجه به‌نژادگران قرار گیرند.

گروه‌بندی کردند. آن‌ها بین گروه‌بندی ایجاد شده و صفات مورفولوژیک ارتباط مستقیمی پیدا کردند، به نحوی که ژنوتیپ‌های موجود در هر گروه توسط یک نشانگر مورفولوژیک غالب مانند رنگ کلئوپتیل، رنگ میانگره و رنگ برگ به‌خوبی قابل شناسایی و تفکیک بودند. نتایج ارائه شده توسط طاهری و همکاران (Taheri et al., 2024) نیز نشان داد که تجزیه خوشه‌ای به‌خوبی قادر به تفکیک لاین‌های اینبرد گندم دوروم برخوردار از صفات زراعی و مورفولوژیک مطلوب مانند عملکرد دانه و اجزای آن و همچنین انتقال مجدد از سایر لاین‌ها بود.

نتیجه‌گیری کلی

به‌طورکلی نتایج به‌دست آمده از این پژوهش نشان داد که سطح قابل توجهی از تنوع ژنتیکی برای صفاتی نظیر عملکرد دانه و مهم‌ترین اجزای آن (تعداد دانه در سنبله،



شکل ۲- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای با استفاده از ماتریس فاصله اقلیدسی بر اساس میانگین داده‌های دو سال
Figure 2. Dendrogram of cluster analysis using Euclidean distance matrix based on averaged two years data

جدول ۳- میانگین، انحراف معیار و انحراف از میانگین کل هر یک از صفات اندازه‌گیری شده در گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای

Table 3. Mean, standard deviation and deviation from total mean of each of the measured traits in the groups resulting from cluster analysis

Trait †	Cluster II														
	Cluster I			Sub-cluster II-I						Sub-cluster II-II					
				Sub-sub-cluster II-I-I			Sub-sub-cluster II-I-II			Sub-sub-cluster II-II-I			Sub-sub-cluster II-II-II		
	Mean	STD	D	Mean	STD	D	Mean	STD	D	Mean	STD	D	Mean	STD	D
DA	135.73	0.51	-0.08	135.59	0.59	-0.21	135.75	0.53	-0.06	136.00	1.38	0.19	135.82	0.72	0.01
DH	124.86	1.84	-0.28	124.96	1.94	-0.18	124.67	1.89	-0.47	125.77	2.37	0.63	125.09	1.62	-0.05
GFP	39.08	1.68	0.18	38.77	2.31	-0.12	39.23	2.43	0.33	38.53	2.46	-0.36	38.99	2.27	0.10
DM	163.94	1.06	0.06	163.73	1.48	-0.15	163.90	1.99	0.02	163.83	1.92	-0.05	163.97	1.64	0.08
FL	21.51	2.04	-0.78	22.57	2.07	0.28	22.39	1.72	0.10	22.56	2.08	0.27	22.18	2.10	-0.12
PH	77.98	4.55	-0.09	76.92	6.04	-1.15	76.85	6.10	-1.22	79.02	5.97	0.95	78.58	5.13	0.51
PL	34.75	2.88	-0.78	34.93	4.11	-0.60	34.50	3.47	-1.03	35.76	4.26	0.23	36.46	3.23	0.93
NS	539.75	74.77	95.89	411.07	59.44	-32.79	351.81	50.55	-92.05	433.73	42.58	-10.13	481.45	64.64	37.59
SD	53.96	10.28	1.83	50.93	6.31	-1.20	47.37	8.87	-4.75	52.80	6.52	0.67	54.02	8.75	1.89
SL	7.70	0.53	0.0	7.60	0.54	-0.10	7.80	0.52	0.10	7.90	0.56	0.20	7.70	0.53	0.0
NGS	41.42	7.24	1.61	38.34	5.20	-1.48	36.50	5.56	-3.32	41.00	5.22	1.18	40.79	6.29	0.98
TKW	39.64	3.39	0.42	39.15	3.21	-0.07	39.18	4.23	-0.04	39.08	2.84	-0.14	39.24	3.48	0.02
GY	759.08	176.67	173.15	505.48	45.13	-80.45	405.12	49.00	-180.82	572.34	37.88	-13.59	668.39	68.65	82.46
HI	38.29	4.25	-1.91	40.83	3.16	0.63	40.18	3.79	-0.02	40.35	2.72	0.14	40.47	3.13	0.27
BY	1916.70	369.86	482.03	1229.53	42.90	-205.14	1016.02	102.69	-418.65	1402.00	53.34	-32.67	1606.98	139.73	172.31

† DA, days to anthesis; DH, days to heading; GFP, grain filling period; DM, days to maturity; FL, flag-leaf length; PH, plant height; PL, Peduncle length; NS, number of spikes; SD, spike density; SL, spike length; NGS, number of grains per spike; TKW, 1000-kernel weight; GY, grain yield; HI, harvest index; BY, biological yield. STD is the standard deviation and D is the deviation from total mean of each cluster.

سیاسگزاری

نگارندگان مقاله از همکاری و مساعدت مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور (سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، معاونت سرارود، کرمانشاه)، در فراهم کردن امکانات و شرایط لازم جهت اجرای این تحقیق، کمال تشکر و قدردانی را دارند.

رعایت اخلاق در نشر

نویسندگان اعلام می‌کنند که در نگارش این مقاله به‌طور کامل از اخلاق نشر از جمله سرقت ادبی، سوء رفتار، جعل داده‌ها و انتشار دوگانه، پیروی کرده‌اند. همچنین این مقاله حاصل یک کار تحقیقاتی اصیل بوده و تاکنون به‌طور کامل به هیچ زبانی و در هیچ نشریه یا همایشی چاپ و منتشر نشده است و هیچ اقدامی نیز برای انتشار آن در هیچ نشریه یا همایشی صورت نگرفته و نخواهد گرفت.

تضاد منافع

نویسندگان تایید می‌کنند که این تحقیق در غیاب هرگونه روابط تجاری یا مالی می‌تواند به عنوان تضاد منافع بالقوه تعبیر شود، انجام شده است.

اجازه انتشار مقاله

نویسندگان با چاپ این مقاله به‌صورت دسترسی باز موافقت کرده و کلیه حقوق استفاده از محتوا، جدول‌ها، شکل‌ها، تصویرها و غیره را به ناشر واگذار می‌کنند.

References

- Ahmadi, G. H. H., Seiosemarde, A., Sohrabi, Y., & Jalal Kamali, M. R. (2020). Relationship between developmental traits and grain yield in durum wheat (*Triticum durum* Desf.) under terminal drought stress condition. *Applied Fields Crops Research*, 33(4), 84-99. [In Persian]. doi: [10.22092/AJ.2021.343422.1484](https://doi.org/10.22092/AJ.2021.343422.1484).
- Al Lawati, A. H., Nadaf, S. K., AlSaady, N. A., Al Hinai, S. A., Almamari, A., Al Adawi, M. H., Al Hinai, R. S., & Al Maawali, A. (2021). Genetic diversity of Omani durum wheat (*Triticum turgidum* subsp. durum) landraces. *The Open Agriculture Journal*, 15(21), 21-32. doi: [10.2174/1874331502115010021](https://doi.org/10.2174/1874331502115010021).
- Alamerew, S., Chebotar, S., Huang, X., Roder, M., & Borner, A. (2004). Genetic diversity in Ethiopian hexaploid and tetraploid wheat germplasm assessed by microsatellite markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 51, 559-567. doi: [10.1023/B:GRES.0000024164.80444.f0](https://doi.org/10.1023/B:GRES.0000024164.80444.f0).
- Aravind, J., Mukesh Sankar, S., Wankhede, D. P., & Kaur, V. (2024). Analysis of augmented reandomized complete block design. R package ver. 2.1.0. <https://aravind-j.github.io/augmentedRCBD/reference/index.html>.
- Burton, G. W. (1952). Qualitative inheritance in grasses. Proceeding of 6th International Grassland Congress, 17-23 Aug. 1952, Pennsylvania State College. Vol. 1. pp. 17-23.
- Dagnaw, T., Mulugeta, B., Haileselassie, T., Geleta, M., Ortiz, R., & Tesfaye, K. (2023). Genetic diversity of durum wheat (*Triticum turgidum* L. ssp. durum, Desf) germplasm as revealed by morphological and SSR markers. *Genes*, 14(6), 1155. doi: [10.3390/genes14061155](https://doi.org/10.3390/genes14061155).
- De Santis, M. A., Soccio, M., Laus, M. N., & Flagella, Z. (2021). Influence of drought and salt stress on durum wheat grain quality and composition: A Review. *Plants*, 10, 2599. doi: [10.3390/plants10122599](https://doi.org/10.3390/plants10122599).
- FAO. (2019). Cereal Supply and Demand Brief. World Food Situation. Cereal production and inventories to decline but overall supplies remain adequate. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Accessed on 29 January 2019, Available online: <http://www.fao.org/worldfoodsituation/csdb/en/>.
- Farshadfar, E., Yaghotipoor, A., Jamshidi Nezhad, S., Bavandpori, F., & Farshadfar, M. (2020). Evaluation of genetic diversity of durum wheat genotypes based on physiological traits in drought conditions using GGE-Biplot analysis. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 22(2), 125-139. [In Persian]. doi: [10.29252/abj.22.2.125](https://doi.org/10.29252/abj.22.2.125).
- Federer, W. T., & Searle, S. R. (1976). Model considerations and variance component estimation in augmented completely randomized and randomized complete blocks designs-preliminary version. Cornell University, New York. Available at: <https://hdl.handle.net/1813/32691>.

- Ghavidel, S., Pour-Aboughadareh, A., & Moustafavi, K. (2023). Identification of drought-tolerant genotypes of barley (*Hordeum vulgare* L.) based on selection indices. *Journal of Crop Science Research in Arid Regions*, 5(3), 682-699. [In Persian]. doi: [10.22034/CSRAR.2024.371176.1294](https://doi.org/10.22034/CSRAR.2024.371176.1294).
- Ghazvini H., Pour-Aboughadareh A., Jasemi S. S., Chaichi M., Tajali H., & Bocianowski J. (2024). A framework for selection of high-yielding and drought-tolerant genotypes of barley: Applying yield-based indices and multi-index selection models. *Journal of Crop Health*, 76, 601-616. doi: [10.1007/s10343-024-00981-1](https://doi.org/10.1007/s10343-024-00981-1).
- Johnson, H. W., Robinson, H. F., & Comstock, R. E. (1955). Estimates of genetic and environmental variability in soybeans. *Agronomy Journal*, 47, 314-318. doi: [10.2134/agronj1955.00021962004700070009x](https://doi.org/10.2134/agronj1955.00021962004700070009x).
- Jokarfard, V., Rabiei, B., & Souri-laki, E. (2023). Assesment of genetic variation among F₁₁ generation recombinant inbred lines and identification of rice (*Oryza sativa* L.) promising lines. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 25(1), 55-70. [In Persian].
- Kamalizadeh, M., Hoseinzadeh, A., & Zeinalikhanghah, H. (2013). Evaluation of inheritance for some quantitative traits in bread wheat using generation mean analysis under water deficit condition. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 44(2), 317-326. doi: [10.22059/IJFCS.2013.35120](https://doi.org/10.22059/IJFCS.2013.35120).
- Khadem Hosseini, Z., & Rabiei, B. (2021). Investigating the relationships between grain yield and quality related traits in some promising lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Cereal Research*, 11(2), 105-119. [In Persian]. doi: [10.22124/CR.2021.20707.1692](https://doi.org/10.22124/CR.2021.20707.1692).
- Kolde, R. (2019). pheatmap: pretty Heatmaps. R package version 1.0.12. <https://cran.r-project.org/web/packages/pheatmap/index.html>. doi: [10.32614/CRAN.package.pheatmap](https://doi.org/10.32614/CRAN.package.pheatmap).
- Kuhn, M., Jackson, S., & Cimentada, J. (2022). corrr: R package version 0.4.4. <https://cran.r-project.org/web/packages/corrr/index.html>. doi: [10.32614/CRAN.package.corrr](https://doi.org/10.32614/CRAN.package.corrr).
- Laskowski, W., Gorska-Warsewicz, H., Rejman, K., Czeczotko, M., & Zwolinska, J. (2019). How important are cereals and cereal products in the average polish diet? *Nutrients*, 11(3), 679. doi: [10.3390/nu11030679](https://doi.org/10.3390/nu11030679).
- Lush, J. L. (1940). Intra-sire correlations or regressions of offspring on dam as a method of estimating heritability of characteristics. *Journal of Animal Science*, 1940(1), 293-301. doi: [10.2527/jas1940.19401293x](https://doi.org/10.2527/jas1940.19401293x).
- Mehrabi, A. A., Pour-Aboughadareh, A., Mansouri, S., & Hosseini, A. (2020). Genome-wide association analysis of root system architecture features and agronomic traits in durum wheat. *Molecular Breeding*, 40, 55. doi: [10.1007/s11032-020-01136-6](https://doi.org/10.1007/s11032-020-01136-6).
- Meier, C., Meira, D., Marchioro, V. S., & Olivoto, T. (2019). Selection gain and interrelationships between agronomic traits in wheat F₅ genotypes. *Revista Ceres*, 66(4), 271-278. doi: [10.1590/0034-737X201966040005](https://doi.org/10.1590/0034-737X201966040005).
- Olivoto, T., Diel, M., Schmidh, D., & Lucio, A. (2022). MGIDI: A powerful tool to analysis plant multivariate data. *Plant Methods*, 18, 121. doi: [10.1186/s13007-022-00952-5](https://doi.org/10.1186/s13007-022-00952-5).
- Olivoto, T., & Lucio, A. D. (2020). metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology & Evolution*, 11(6), 783-789. doi: [10.1111/2041-210x.13384](https://doi.org/10.1111/2041-210x.13384).
- Pour-Aboughadareh, A., Etminan, A., Abdelrahman, M., Siddique, K. H. M., & Tran, L. S. P. (2020a). Assessment of biochemical and physiological parameters of durum wheat genotypes at the seedling stage during polyethylene glycol-induced water stress. *Plant Growth & Regulation*, 92, 81-93. doi: [10.1007/s10725-020-00621-4](https://doi.org/10.1007/s10725-020-00621-4).
- Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Etminan, A., Shooshtari, L., Maleki-Tabrizi, N., & Poczaib, P. (2020b). Effects of drought stress on some agronomic and morpho-physiological traits in durum wheat genotypes. *Sustainability*, 12(14), 5610. doi: [10.3390/su12145610](https://doi.org/10.3390/su12145610).
- Pour-Aboughadareh, A., Omid, M., Naghavi, M. R., Etminan, A., & Mehrabi, A. A. (2019). Estimation of genetic parameters and heritability of photosynthetic-related traits in *Aegilops tauschii* accessions under water deficit stress. *Modern Genetic Journal*, 14(3), 251-262. [In Persian]. doi: [20.1001.1.20084439.1398.14.3.1.9](https://doi.org/20.1001.1.20084439.1398.14.3.1.9).
- Pour-Aboughadareh, A., & Poczaib, P. (2021a). Dataset on the use of MGIDI index in screening drought-tolerant wild wheat accessions at the early growth stage. *Data in Brief*, 36, 107596. doi: [10.1016/j.dib.2021.107096](https://doi.org/10.1016/j.dib.2021.107096).
- Pour-Aboughadareh, A., & Poczaib, P. (2021b). A dataset on multi-trait selection approaches for screening desirable wild relatives of wheat. *Data in Brief*, 39, 107541. doi: [10.1016/j.dib.2021.107541](https://doi.org/10.1016/j.dib.2021.107541).

- Poursiahbidi, M., Pour-Aboughadareh, A., Tahmasebi, G., Teymoori, M., & Jasemi, M. (2013). Evaluation of genetic diversity and interrelationships of agro-morphological characters in durum wheat (*Triticum durum* Desf.) lines using multivariate analysis. *International Journal of Agricultural Research*, 3(1), 184-194.
- Robinson, H. F. (1966). Quantitative genetics in relation to breeding on centennial of Mendelism. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, 26, 171-187.
- Roff, D. A., & Emerson, K. (2006). Epistasis and dominance: Evidence for differential effects in life history versus morphological traits. *Evolution*, 60(10), 1981-1990. doi: [10.1111/j.0014-3820.2006.tb01836.x](https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2006.tb01836.x).
- Tabatabaei, S., Shakeri, E., & Shahedi, M. (2013). Investigation of yield, yield components changes and some physiological characteristics of barley genotypes under irrigation tension conditions. *Crop Physiology Journal*, 18(5), 101-114. [In Persian]. dor: [20.1001.1.2008403.1392.5.18.8.5](https://doi.org/20.1001.1.2008403.1392.5.18.8.5).
- Taheri, R., Khodarahmpoor, Z., Khodarahmi, M., & Moradi, M. (2024). Multivariate analysis of recombinant inbred lines of durum wheat (*Triticum durum*) in full irrigation and terminal drought stress conditions. *Crop Production*, 16(3), 131-154. [In Persian]. doi: [10.22069/EJCP.2024.21105.2568](https://doi.org/10.22069/EJCP.2024.21105.2568).
- Zali, H., Barati, A., Pour-Aboughadareh, A., Gholipour, A., Koohkan, S., Marzoghiyan, A., Bocianowski, J., Bujak, H., & Nowosad, K. (2023). Identification of superior barley genotypes using selection index of ideal genotype (SIIG). *Plants*, 12(9), 1843. doi: [10.3390/plants12091843](https://doi.org/10.3390/plants12091843).